第 41 卷 第 2 期　　昆 虫 学 报　　Vol. 41, No. 2
1998 年 5 月　　ACTA ENTOMOLOGICA SINICA　　May, 1998

九种蝗虫核型似近系数的聚类分析研究*

姚世鸿　　王景佑　　周　江
（贵州师范大学生物系　贵阳　550001）
吴昌谋
（广西师范大学生物系　桂林　541004）

摘要　应用核型似近系数聚类分析方法，研究了小稻蝗 *Oxya hyla intricata*、山稻蝗 *O. agavisa*、上海稻蝗 *O. shanghaiensis*、无齿稻蝗 *O. adentata*、中华稻蝗 *O. chisensis*、日本稻蝗 *O. japonica*、短额负蝗 *Atractomorpha sinensis*、奇异负蝗 *A. pergrina* 和日本蚱 *Tetrix japonica* 等9种蝗虫的亲缘关系。结果显示，9种蝗虫分为3类：稻蝗，负蝗和蚱。6种稻蝗之间的核型似近系数（λ）在0.961～0.5695之间，2种负蝗的 $\lambda=0.5867$，日本蚱与这8种蝗虫的 λ 在0.5318～0.0322。聚类图直观地反映出它们的亲缘关系与形态分类学的分类结果相一致。从9种蝗虫的核型演化上看，日本蚱是较原始的类型，负蝗分化也较早，而稻蝗则是较进化的类型。

关键词　蝗虫，核型似近系数，聚类分析

核型似近系数（karyotype resemblance-near coefficients）是两个物种在形态结构上的等同程度的表征。它反映的是物种间在核型上的同源性或亲缘关系的远近。核型似近系数聚类分析法是谭远德，吴昌谋于1993年提出的一种研究方法，并通过在淡水鱼类方面的应用，获得了与形态学分类非常一致的结果[1]。稻蝗（*Oxya*），负蝗（*Atractomorpha*）和日本蚱（*Tetrix japonica*）广泛分布于我国各大农区，是农业生产的一类大害虫，特别是中华稻蝗（*O. chisensis*），近年来，虫口密度逐渐上升，一般年份使水稻减产5％左右。1985年以来，Bernard John 等（1985），马恩波等（1989，1994）和姚世鸿等（1996）先后报道了日本稻蝗（*O. japonica*），中华稻蝗，上海稻蝗（*O. shanghaiensis*），无齿稻蝗（*O. adentata*），山稻蝗（*O. agvaisa*），小稻蝗（*Oxya hyla intricata*），日本蚱（*Tetrix japonica*）和短额负蝗（*Atractomorpha sinensis*），奇异负蝗（*A. pergrina*）的C带核型[2~5]。从染色体分带水平上为稻蝗，负蝗和日本蚱的分类提供了细胞学证据。但应用核型似近系数聚类分析法研究上述9种蝗虫亲缘关系的报道，尚未见到。为此，我们根据上述9种蝗虫的现有核型资料，对它们进行了核型似近系数聚类分析。

1　材料和方法

1.1　材料

小稻蝗等9种蝗虫的染色体相对长度（染色体组中，染色体实测长度与该染色体组长

* 贵州省科学技术基金资助项目（贵阳地区蝗虫染色体研究的部分内容）
1995-11-17收稿，1997-05-26收修改稿

度的比值，用“RL 值”代表）等核型数据列于表1。其中“RL 值”和“BRL 值”（每条染色体的 C 带带纹总长与该染色体长度的比值）的纵向排列次序就是常染色体从大到小的次序，X 染色体排在最后，用“*”表示。其余“RL 值方差”代表染色体相对长度方差，“RL 值极差”就是染色体组中最长与最短染色体之差，“HAL 值/CGL 值”代表染色体组中所有染色体 C 带带纹总长与该染色体组长度的比值，“BRL 值平均”，“BRL 值标准差”和“BRL 值极差”依次代表 C 带带纹相对长度的平均，标准差和极差。

表1 小稻蝗等9种蝗虫的核型数据统计表[2~5]

种名	小稻蝗	山稻蝗	上海稻蝗	无齿稻蝗	中华稻蝗	日本稻蝗	短额负蝗	奇异负蝗	日本蚱
2n(♂)	23	23	23	23	23	23	19	19	13
RL 值(%)	12.50	13.07	14.94	13.86	14.27	14.05	13.37	14.40	13.32
	11.97	12.38	12.53	12.82	12.94	12.15	11.72	11.61	10.48
	10.66	9.83	9.79	9.98	10.20	11.00	10.77	10.67	7.21
	10.13	9.22	8.96	9.72	8.33	10.92	9.91	9.61	6.16
	8.47	8.18	7.22	8.00	8.07	8.34	9.41	8.91	5.61
	8.00	7.57	7.14	7.57	6.65	7.14	8.78	8.45	5.03
	7.35	6.74	6.89	7.14	6.38	7.07	8.02	8.06	0
	7.11	6.53	6.64	6.45	5.85	6.99	7.25	7.56	0
	4.92	5.43	5.56	5.16	5.59	5.34	6.68	5.57	0
	4.63	5.02	4.73	3.96	5.41	5.02	0	0	0
	3.79	3.92	3.65	3.53	3.63	1.75	0	0	0
	*10.78	12.10	11.45	11.80	12.68	10.23	14.07	15.16	4.38
RL 值方差	8.53	9.21	11.24	11.39	11.81	12.07	6.20	9.12	10.67
RL 值极差	8.71	9.15	11.29	10.33	10.64	12.30	7.39	9.59	8.94
BRL 值(%)	11.79	11.05	23.89	34.16	18.01	12.11	56.24	13.85	26.31
	20.40	22.72	38.41	40.27	30.82	29.57	29.92	19.42	30.56
	13.66	16.78	21.19	25.00	23.48	13.81	36.24	31.07	43.85
	16.67	20.15	23.15	23.89	22.34	25.41	42.99	28.30	51.18
	17.54	19.33	26.88	21.51	23.08	23.20	38.50	31.40	45.59
	20.98	20.91	30.23	22.73	26.67	35.55	61.66	30.67	51.01
	18.55	17.35	21.69	28.91	29.17	34.50	39.30	31.51	0
	28.04	26.31	42.50	40.00	45.45	61.02	38.64	26.71	0
	26.51	29.11	26.87	33.00	36.51	52.87	46.83	36.28	0
	74.30	66.10	82.46	73.92	72.14	43.03	0	0	0
	42.19	40.35	31.80	39.02	51.22	38.27	0	0	0
	*20.74	18.02	20.29	21.90	16.08	11.09	34.28	14.36	31.01
HAL 值/CGL 值(%)	22.87	22.35	29.96	31.41	28.81	28.45	42.14	24.43	39.84
BRL 值平均	25.95	25.65	32.47	33.69	32.94	31.79	42.46	26.36	39.93
BRL 值标准差	17.18	14.72	17.22	14.55	16.25	15.83	9.37	6.04	13.61
BRL 值极差	62.51	55.05	62.17	52.41	56.06	49.93	31.74	21.92	24.87

* 此行为各物种的 X 染色体

1.2 方法

在计算机上，按核型似近系数 $\lambda=\beta\cdot\gamma$ 公式，计算出每两种蝗虫之间的 λ 值。

公式中，β 为接近系数。$\beta=1-d/D$，D 为和距。

$$D=\sum_{k=1}^{n}\left|X_{ik}\right|+\sum_{k=1}^{n}\left|X_{jk}\right|$$

d 为合距，是内距 di 与外距 de 之积的平方根。$d=\sqrt{di\cdot de}$

$$di=\sum_{k=1}^{n}\left|X_{ik}-X_{jk}\right|$$

$$de=\left|\sum_{k=1}^{n}\left|X_{ik}\right|-\sum_{k=1}^{n}\left|X_{jk}\right|\right|$$

γ 为相关系数。

$$\gamma=\frac{\sum(X_i\cdot X_j)-\frac{(\sum X_i)(\sum X_j)}{n}}{\sqrt{\sum(X_i-\overline{X}_i)^2\cdot\sum(X_j)-\overline{X}_j)^2}}$$

$\sum(X_i\cdot X_j)$ 是每一对数值乘积之和。$\overline{X}_i$ 为一种蝗虫的30个数值（表1）的平均值。$\overline{X}_j$ 为另一种蝗虫的30个数值（表1）的平均值。

λ 算出后，用类平均法[5]进行聚类分析，并根据聚类结果绘出聚类图。

2 结果与分析

小稻蝗等9种蝗虫的核型似近系数及其聚类结果与聚类图，如表2、表3和图1所示。

表2　小稻蝗等9种蝗虫的核型似近系数

	小稻蝗	山稻蝗	上海稻蝗	无齿稻蝗	中华稻蝗	日本稻蝗	短额负蝗	奇异负蝗
山稻蝗	0.9610							
上海稻蝗	0.7695	0.7687						
无齿稻蝗	0.7348	0.7470	0.9228					
中华稻蝗	0.7818	0.7968	0.9060	0.9246				
日本稻蝗	0.5695	0.6001	0.7511	0.7291	0.8313			
短额负蝗	0.0735	0.1119	0.2648	0.3309	0.2475	0.4171		
奇异负蝗	0.0575	0.1247	0.1648	0.1869	0.1827	0.3662	0.5875	
日本蚱	0.0322	0.0783	0.1395	0.1242	0.0704	0.0771	0.4641	0.5742

从表2、表3和图1可以看出，小稻蝗等9种蝗虫聚为3类。第1类包括小稻蝗等6种稻蝗，第2类包括2种负蝗，第3类为日本蚱。这与它们在形态分类学上，6种稻蝗属斑腿蝗科(Catantopidae)、稻蝗属(*Oxya*)；2种负蝗属锥头蝗科(Pyrgomorphidae)，负蝗属(*Atractomorpha*)；日本蚱属蚱科（Tetrgdae），蚱属（*Tetrix*）的结论是一致的。

在第1类中，小稻蝗和山稻蝗的 λ 为0.9610，并在 λ=0.9609983处首先聚为一类。这说明小稻蝗和山稻蝗的核型同源性最大，亲缘关系最近。其余，中华稻蝗和无齿稻蝗，上海稻蝗和无齿稻蝗，中华稻蝗和上海稻蝗，中华稻蝗和日本稻蝗，中华稻蝗和山稻蝗，中华稻蝗和小稻蝗，上海稻蝗和小稻蝗，上海稻蝗和山稻蝗，上海稻蝗和日本稻蝗，山稻

表3 小稻蝗等9种蝗虫核型似近系数的类平均法聚类结果

D 1=D (2, 1) =0.9609983

1, 2, * *, * *, 3, * *, 4, * *, 5, * *, 6, * *, 7, * *, 8, * *, 9, * *,

D 2=D (5, 4) =0.9245944

1, 2, * *, * *, 3, * *, 4, 5, * *, * *, 6, * *, 7, * *, 8, * *, 9, * *,

D 3=D (4, 3) =0.9144221

1, 2, * *, * *, 3, 4, 5, * *, * *, * *, 6, * *, 7, * *, 8, * *, 9, * *,

D 4=D (3, 1) =0.7671083

1, 2, 3, 4, 5, * *, * *, * *, * *, * *, 6, * *, 7, * *, 8, * *, 9, * *,

D 5=D (6, 1) =0.6752159

1, 2, 3, 4, 5, 6, * *, * *, * *, * *, * *, * *, 7, * *, 8, * *, 9, * *,

D 6= (8, 7) =0.5875271

1, 2, 3, 4, 5, 6, * *, * *, * *, * *, * *, * *, 7, 8, * *, * *, 9, * *,

D 7=D (9, 7) =0.5191639

1, 2, 3, 4, 5, 6, * *, * *, * *, * *, * *, * *, 7, 8, 9, * *, * *, * *,

D 8=D (7, 1) =0.1786116

1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, * *, * *, * *, * *, * *, * *, * *, * *, * *,

注：表中的数字1～9依次是小稻蝗，山稻蝗，上海稻蝗，无齿稻蝗，中华稻蝗，日本稻蝗，短额负蝗，奇异负蝗和日本蚱的编号

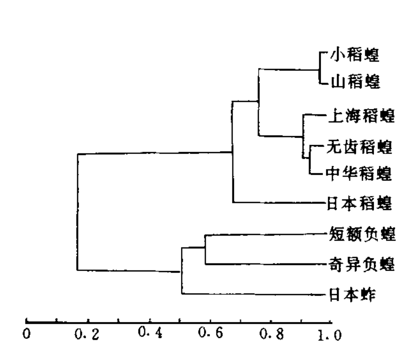


图1 小稻蝗等9种蝗虫的核型似近系数聚类图

蝗和无齿稻蝗，小稻蝗和无齿稻蝗，日本稻蝗和无齿稻蝗，日本稻蝗和山稻蝗，日本稻蝗和小稻蝗等的 λ，依次为0.9246，0.9228，0.9061，0.8313，0.7968，0.7818，0.7696，0.7687，0.7511，0.7470，0.7348，0.7291，0.6001，0.5695。λ依次一个比一个小。亲缘关系依次一个比一个远。

在第2类中，短额负蝗和奇异负蝗在 λ=0.5875271处聚为一类。其中，短额负蝗和日本、无齿、上海、中华、山、小等6种稻蝗的 λ，依次为0.4171，0.3309，0.2648，0.2475，0.1119，0.0735；奇异负蝗和日本、无齿、中华、上海、山、小等6种稻蝗的λ，依次为0.3662，0.1869，0.1827，0.1648，0.1247，0.0575。2种负蝗同日本稻蝗的λ较大，亲缘关系较近，而同小稻蝗的λ较小，亲缘关系较远。

第3类中，日本蚱同奇异负蝗和短额负蝗的 λ，依次为0.5742，0.4641，而同上海、无齿、山、日本、中华、小等6种稻蝗的λ则依次为0.1395，0.1242，0.0783，0.0774，0.0704，0.0322。日本蚱同2种负蝗的亲缘关系较近，而同上海、无齿、山、日本、中华、小等6种稻蝗的则依次一个比一个远。因此，日本蚱在 λ=0.4979592处同第2类聚成一类之后，再

在 $\lambda=0.1786126$处与第1类聚成一类。

如果把小稻蝗等9种蝗虫的36个核型似近系数（λ）从大到小排列起来，则6种稻蝗的15个在0.9610～0.5690，排在1～14和17位。2种负蝗的为0.5875，排在第15位。而16，18位则是2种负蝗和日本蚱之间的 λ 位置；2种负蝗和6种稻蝗的12个排在19～26和28，30，33，35位。日本蚱和上海、无齿、山、日本、中华、小等6种稻蝗的6个则排在27，29，31，32，34，36位。山稻蝗和小稻蝗的 λ 最大，排在第1位，日本蚱同小稻蝗的 λ 最小，排在第36位，这说明，9种蝗虫中，山稻蝗和小稻蝗的亲缘关系最近，小稻蝗和日本蚱的亲缘关系最远，2种负蝗同日本蚱和6种稻蝗的亲缘关系居上述二者之间。其中，日本蚱同2种负蝗的亲缘关系比同6种稻蝗的近。

3 讨论

(1) 蝗虫是一个包括好几个科的类群，但就其染色体数目而言，有$2n(♂)=13$、19、23三类。如本研究中的6种稻蝗就是$2n(♂)=13$，两种负蝗就是$2n(♂)=19$，日本蚱就是$2n(♂)=13$。那么，在蝗虫系统演化过程中，其染色体数目是由$2n(♂)=13\rightarrow 2n(♂)=19\rightarrow 2n(♂)=23$，还是由$2n(♂)=23\rightarrow 2n(♂)=19\rightarrow 2n(♂)=13$呢？根据本研究结果和日本蚱前、中足附节只有2节，爪间无中垫，体小型(♂ 8～9.5 mm，♀ 9～13 mm)等比负蝗、稻蝗简单的特点，按照生物由小到大，由简单到复杂的进化规律，以及亲缘关系愈小，分化程度愈早等原则，我们认为日本蚱是较原始的类型，稻蝗是较进化的类型。蝗虫染色体数目进化趋势很可能是由$2n=(♂)=13\rightarrow 2n(♂)=19\rightarrow 2n(♂)=23$。

(2) 小稻蝗等9种蝗虫核型似近系数聚类分析的结果进一步证明，核型似近系数作为物种在核型水平上的归类是比较客观的。核型似近系数可以作为种间亲缘关系和进化演进的重要参数。

参　考　文　献

1 谭远德，吴昌谋．核型似近系数的聚类分析方法．遗传学报，1993，20（4）：305～311

2 Bernard John，Max King *et al*. Equilocality of heterochromatin distribution and heterochromatin heterogeneity in acridid grasshoppers. Chromosoma（Berl）. 1985，91：185～200

3 马恩波，郑哲民．五种稻蝗染色体核型和C带带型的比较．昆虫学报，1989，32（4）：399～405

4 马恩波，郑　莉．日本蚱染色体C带带型研究．山西大学学报（自然科学版），1994，17（4）：445～448

5 姚世鸿，王景佑等．贵阳地区三种负蝗核型和C带的研究．西南地区遗传学研究．成都：四川大学出版社，1996．182

6 高之仁．数量遗传学．成都：四川大学出版社，1986，271～275

CLUSTER ANALYSIS OF THE KARYOTYPE RESEMBLANCE-NEAR COEFFICIENTS OF NINE LOCUST SPECIES

Yao Shihong Wang Jingyou Zhou Jiang
(Department of Biology, Guizhou Normal University Guiyang 550001)
Wu Changmou
(Department of Biology, Guangxi Normal University Guilin 541004)

Abstract By applying cluster analysis of karyotype resemblance-near coefficients (λ), we have studied the phylogenetic relation of *Oxya hyla intricata*, *O. agavisa*, *O. Shanghaiensis*, *O. adentata*, *O. chisensis*, *O. japonica*, *Atractomorpha sinensis*, *A. pergrina* and *Tetrix japonica*. Results show that the 9 locust species can be roughly divided into three categories: *Oxya*, *Atractomorpha* and *Tetrix*. For the 6 *Oxya* species, their karyotype resemblance-near coefficients (λ) range from 0.9610 to 0.5695. For the two *Atractomorpha*, the λ is 0.5867. For *T. japonica* and the other locusts it ranges from 0.5318 to 0.0322. The cluster figure reflects objectively that they are consistent to their phylogenetic relation and the result of the morphological systematics. From the evolution of the karyotypes of the 9 locust species, we consider that *Tetrix japonica* is the most ancient type, *Atractomorpha* is also of early differentiation and *Oxay* is of the most recent evolutional type.

Key words locust, karyotype resemblance-near coefficient, cluster analysis